



CURSO

INTERACCION GENOTIPO x AMBIENTE Y USO DE MARCADORES MOLECULARES EN EL FITOMEJORAMIENTO DE PLANTAS

30 de julio al 1 de agosto, 2024

OBJETIVO DEL CURSO:

Comprender las implicaciones de las interacciones genotípicas con el medio ambiente al estimar e interpretar los valores genéticos de cultivares de cultivos.

Describir y utilizar métodos estadísticos utilizados para cuantificar las interacciones genotípicas por el medio ambiente y la estabilidad; haciendo hincapié en la cuantificación y manejo de las interacciones genotípicas por el medio ambiente de manera que se puedan tomar decisiones adecuadas en el mejoramiento de plantas.

Introducción al uso de marcadores moleculares para el uso de recursos genéticos y en el mejoramiento de plantas.

RESULTADOS DE APRENDIZAJE/OBJETIVOS DEL CURSO:

Describir clases de interacciones genotipo x ambiente y discutir su impacto agronómico y en el fitomejoramiento.

Describir las fuentes de variación en ensayos de cultivos en múltiples ubicaciones, su importancia relativa y las técnicas para controlar su impacto en la selección y evaluación.

Comprender la agrupación y clasificación ambiental para aprovechar la respuesta diferencial de los cultivares.

Discutir análisis de estabilidad y los tipos de respuestas ambientales.

Ajustar e interpretar varios modelos estadísticos y representaciones gráficas útiles para comprender la interacción genotipo x ambiente en pruebas de variedades de plantas y mejora en ensayos en múltiples ubicaciones.

Diseñar sistemas de prueba y evaluación, incluida la selección de la ubicación/ambiente, adecuado para identificar genotipos superiores para una adaptación exitosa a ambientes particulares.

Describir la significancia los efectos de GxE en los QTL y marcadores, y formas de utilizar la interacción GxE en procedimientos de mejoramiento asistido por marcadores.

Reconocer los principales estímulos ambientales (variables ambientales) que impactan la traducción de genotipos de las plantas cultivadas a fenotipos.

PROGRAMA

DÍA 1	TEMA	INSTRUCTOR
9:00-10:00	Introducción al Fitomejoramiento -Definición, conceptos claves (herencia, fenotipo, TPE) Conservación y uso de recursos genéticos, mining allele, pre-breeding.	Daniela Bustos
10:00-11:00	Interacción Genotipo x Ambiente -Tipos -Formas de medición ganancia genética	Daniela Bustos
11:00-11:30	Coffee	
11:30-13:00	Diseño experimental. -Bloques completos al azar, Bloques incompletos al azar, Bloques incompletos parcialmente balanceados, Bloques incompletos balanceados. Diseños resolubles en bloques incompletos agrupados en repeticiones, látices balanceados, Látices no balanceados, diseños Alpha- Diseños resolubles aleatorización cíclica.	Daniela Bustos
13:00-14:00	Lunch box	
14:00 – 15:30	Ensayos multiambiente. Diseños parcialmente repetidos. Diseños aumentados. Fenotipeado disperso..	Juan Burgueño
15:30-16:00	Coffee	
16:00-17:30	Modelo lineal generalizado mixto. Mínimos cuadrados, máxima verosimilitud. BLUP/BLE. -Estructuras de varianzas-covarianza -Análisis de ensayos multiambientes	Juan Burgueño

DÍA 2	TEMA	INSTRUCTOR
9:00-11:00	Análisis individual y combinado. Análisis de covarianza.	Daniela Bustos
11:00-11:30	Coffee	
11:30-13:00	<i>Análisis de estabilidad. Modelos multiplicativos, AMMI-SREG, Factor analytical model</i>	Daniela Bustos
13:00-14:00	Lunch box	
14:00-15:30	Análisis en una y dos etapas	Juan Burgueño
15:30-16:00	Coffee	
16:00-17:30	Correlación genética y varianzas genéticas -Estimación en R.	Juan Burgueño

DÍA 3	TEMA	INSTRUCTOR
9:00-11:00	Diversidad genética. Generación de colecciones núcleos.	Juan Burgueño
11:00-11:30	Coffee	
11:30-13:00	-Mapeo de QTL -GWAS. <i>Poblaciones para estudios genómicos</i> -Biparental, con y sin backcross (P1, P2, F1, F2, BC1, BC2) -RILS, MAGIC. GWAS Ambiental	Daniela Bustos
13:00-14:00	Lunch box	
14:00-15:30	Selección con herramientas genómicas	Juan Burgueño
15:30-16:00	Coffee	
16:00-17:30	MESA redonda	

INSTRUCTORES: JUAN BURGEÑO (CIMMYT), DANIELA BUSTOS (UACH)

REQUISITOS PREVIOS: Se recomiendan altamente conocimientos sobre fitomejoramiento y estadística

DURACIÓN PROPUESTA: 3 días; 5.5 horas por día

FECHA DE REALIZACION: 30 de julio al 1 de agosto, 2024

LUGAR: INIA Carillanca, km 10, Camino Cajón, Vilcún, Temuco



DIPLOMA

Finalizado el curso se entregará un diploma acreditativo

INSCRIPCIONES

Contacto: Erika Salazar- creg.chile@gmail.com

** Inscripción gratuita – cupos limitados (25 personas), se debe postular en base a cartas de interés.*

Dirigido a estudiantes de post grado e investigadores que trabajan en análisis genéticos con plataformas de alto rendimiento.

INSTRUCTORES



Juan Burgueño es científico senior y jefe de la unidad de biometría y estadística del CIMMYT. Él y su equipo están comprometidos a desarrollar nuevas metodologías matemáticas y estadísticas y aplicarlas para resolver los problemas que enfrentan el CIMMYT y los investigadores asociados. Burgueño y su equipo se centran principalmente en la investigación, consultoría y capacitación en una amplia gama de temas como diseño experimental, ensayos de cultivos en múltiples ambientes, experimentos de agronomía, patología y entomología, conservación de recursos genéticos, mapeo de loci de rasgos cuantitativos, selección de genoma y diversidad genética. Como jefe de la unidad, coordina los esfuerzos del equipo en estas áreas y fortalece el equipo de biometristas del CIMMYT para colaborar y ayudar eficazmente al personal y a los socios del CIMMYT. Burgueño contribuye principalmente al diseño experimental, modelado estadístico, selección del genoma y análisis de datos de fenotipado de alto rendimiento.



Daniela Bustos Profesora de la Universidad Austral especializada en el modelado de genotipo a fenotipo para caracterizar y predecir la adaptación de cultivos en múltiples entornos. Estos enfoques de modelización tienen como objetivo mejorar las posibilidades de obtener variedades mejor adaptadas aumentando el número de genotipos evaluados en el proceso de selección y considerando la estructura de la población objetivo de genotipos y la población objetivo de ambientes. Ha trabajado en métodos para la identificación de grupos de ambientes más homogéneos en términos de clasificación genotípica (mega ambientes). Con experiencia en el uso de marcadores moleculares y secuencia del Exoma para identificar regiones genómicas relacionadas con el desempeño fenotípico en diferentes ambientes (QTLxE, predicción genómica). Ha estado involucrada en el desarrollo de estrategias para construir el conjunto de entrenamiento para modelos de predicción genómica y en métodos para la detección de QTL en múltiples entornos. Actualmente trabaja en la síntesis de modelos estadístico-genéticos con modelos de crecimiento de cultivos como APSIM-trigo para evaluar estrategias de mejoramiento genético y fenotipado.